UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Karakterisasi Komposisi dan Variasi Genomik Tebu (Saccharum hybrid) 'Kidang Kencana'
Tiara Putria Judith, Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

KARAKTERISASI KOMPOSISI DAN VARIASI GENOMIK TEBU (*Saccharum hybrid*) 'KIDANG KENCANA'

Tiara Putria Judith

24/553427/PBI/02108

Dosen Pembimbing: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

INTISARI

Tebu (*Saccharum hybrid*) merupakan komoditas strategis penghasil gula dan bioenergi dengan kompleksitas genomik akibat sifat poliploid dan aneuploid, sehingga menjadi tantangan dalam pengembangan kultivar unggul berbasis molekuler. Eksplorasi genom kloroplas menjadi pendekatan relevan sebagai langkah awal pengembangan genomik tebu di Indonesia karena memiliki struktur genom relatif stabil, serta mengandung gen esensial yang berperan dalam fotosintesis dan identifikasi molekuler tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi struktur dan komposisi genom kloroplas tebu 'Kidang Kencana', serta variasi genomik dan hubungan filogenomik melalui analisis komparatif dengan spesies dalam *tribe* Andropogoneae. Penelitian dilakukan menggunakan pendekatan *long-read* dan *short-read genome sequencing*. DNA genom diekstraksi dari daun muda, kemudian dilakukan analisis kualitas dan kuantitas DNA. Perakitan genom kloroplas berbasis *long-read sequencing* dilakukan menggunakan *pipeline* TIPPo. Hasil *assembly* di-*polishing* berbasis pemetaan *short-read* terhadap hasil *long-read sequencing*. Analisis lanjutan meliputi anotasi genom, identifikasi *simple sequence repeats* (SSR), analisis batas *inverted repeat* (IR), komparasi genom kloroplas, bias penggunaan kodon, keragaman nukleotida, dan rekonstruksi filogenomik menggunakan metode *Maximum Likelihood* dan *Bayesian Inference*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa genom kloroplas tebu 'Kidang Kencana' memiliki panjang 141.180 bp dengan struktur *quadripartite* yang terdiri atas wilayah *large single-copy*, *small single-copy*, dan dua IR. Genom tersebut mengandung 135 gen dengan kandungan GC sebesar 38,46%, menunjukkan bias penggunaan kodon kaya A/T, serta memiliki 32 SSR mononukleotida. Analisis batas IR dan komparasi genom kloroplas menunjukkan kedekatan struktur dengan hibrida *Saccharum* lain, serta *Saccharum officinarum* dan *Saccharum robustum*. Analisis filogenomik menunjukkan bahwa tebu 'Kidang Kencana' berkelompok dengan hibrida *Saccharum* lainnya dalam *subtribe* Saccharinae yang konsisten dengan posisinya dalam *tribe* Andropogoneae.

Kata kunci: Bioinformatika, genom kloroplas, *sequencing* DNA, tebu

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Karakterisasi Komposisi dan Variasi Genomik Tebu (Saccharum hybrid) 'Kidang Kencana'
Tiara Putria Judith, Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

CHARACTERIZATION OF COMPOSITION AND GENOMIC VARIATION OF SUGARCANE (*Saccharum* hybrid) 'KIDANG KENCANA'

Tiara Putria Judith

24/553427/PBI/02108

Supervisor: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum* hybrid) is a strategic crop for sugar and bioenergy production, characterized by genomic complexity due to its polyploid and aneuploid nature, which poses significant challenges in the development of superior molecular-based cultivars. Chloroplast genome exploration is a relevant approach as an initial step in sugarcane genomic development in Indonesia because it has a relatively stable genome structure and contains essential genes that play important roles in photosynthesis and molecular plant identification. This study aimed to identify the structure and composition of the chloroplast genome of sugarcane 'Kidang Kencana', as well as genomic variation and phylogenomic relationships through comparative analysis with species within the tribe Andropogoneae. The study was conducted using long-read and short-read genome sequencing approaches. Genomic DNA was extracted from young leaves, followed by DNA quality and quantity analyses. Long-read-based chloroplast genome assembly was performed using the TIPPo pipeline. The assembly results were polished through short-read mapping against the long-read sequencing results. Further analyses included genome annotation, identification of simple sequence repeats (SSR), inverted repeat (IR) boundary analysis, chloroplast genome comparison, codon usage bias, nucleotide diversity, and phylogenomic reconstruction using Maximum Likelihood and Bayesian Inference methods. The results showed that the chloroplast genome of sugarcane 'Kidang Kencana' had a length of 141,180 bp with a quadripartite structure consisting of large single-copy, small single-copy, and two IR regions. The genome contained 135 genes with a GC content of 38.46%, showed an A/T-rich codon usage bias, and possessed 32 mononucleotide SSRs. IR boundary analysis and comparative chloroplast genomics showed structural similarity with other *Saccharum* hybrids, *Saccharum officinarum,* and *Saccharum robustum*. Phylogenomic analysis showed that sugarcane 'Kidang Kencana' clustered with other *Saccharum* hybrids within the subtribe Saccharinae, consistent with its position within the tribe Andropogoneae.

Keywords: Bioinformatics, chloroplast genome, DNA sequencing, sugarcane